遺傳多樣性在農業害蟲防治的應用

黃守宏[1*]、鄭清煥[1]、吳文哲[2,3]

[1] 農業試驗所嘉義分所植物保護系　60044 嘉義市民權路 2 號
[2] 國立台灣大學昆蟲學系　10617 台北市羅斯福路四段 113 巷 27 號
[3] 國立台灣大學植物醫學研究中心　10617 台北市羅斯福路四段 1 號

摘　　要

各種生物種通常具有若干程度之遺傳變異性，使族群在多變的環境中得能適應及繁衍，也是物種之演化、適應及存活的重要因素。然而現代化農業之發展模式乃是朝著單一作物種植，卻因此減少作物種原的歧異度，此舉為造成遺傳上之腐蝕、崩壞及農業生態系的破壞，而有助於病蟲害之發生為害。利用遺傳多樣性進行農業害蟲之管理可藉由其寄主植物、蟲生病原菌及害蟲自身族群等多樣性方向進行。在寄主植物方面，可利用抗性品種進行基因循環種植，或多品系種植等方式進行害蟲管理；蟲生病原菌方面則可混合不同菌系之菌株，以提高其防治效力；在害蟲族群方面則可研究擴大其族群遺傳致死因子，降低其族群發生及為害。如何積極搜尋及保育寄主植物及害蟲病原之多樣性種原，是為未來應用遺傳多樣性進行蟲害防治研究之重要基礎。

關鍵詞：遺傳多樣性、害蟲、防治。

前　　言

每一生物物種通常具有若干程度之遺傳變異性，是族群在多變的環境中得能適應及繁衍之基石，也是物種在適應演化之重要因素。在人類栽培作物過程，尚未發明任何防治病蟲害方法以前，只能選擇及利用存活於自然環境下的個體加以收穫、繼續栽植，此等殘存之個體多具有適應環境及抗主要病蟲害等逆境之特性 (Cheng and Huang, 2007)。

然而現代化農業之發展模式乃是朝著單一作物種植，對農民及育種學者而言，易於操作栽培及單位面積產量爲其考量之主要因素。相較於過去作物產量變化，近 50 年來單位面積產量增加之比例最高，此舉與作物品種改良及機械化操作有關，但在產量增加的同

*論文聯繫人
e-mail: shhuang@dns.caes.gov.tw

時，卻也因此減少作物種原的歧異度(diversity of crop germplasms)。即每一作物種類及遺傳多樣性極小化，此舉將造成遺傳上之腐蝕 (genetic erosion)、崩壞及農業生態系的破壞 (Oka, 1982)。此外，農民爲確保作物之產量，大量使用化學藥劑防除有害生物，其結果不僅造成環境污染，更導致害蟲再猖獗(resurgence) 的發生。害蟲的天敵對藥劑感受性相當高，族群重建緩慢，而害蟲因食物豐富，生長繁殖快速，短期間內即可發展出對藥劑具容忍性特性之族群，致使害蟲與天敵間之自然平衡現象，也因藥劑之使用而崩解，造成生態平衡上另一個危機。

遺傳多樣性之重要性

有害生物通常具有相當快的演化速率，常追隨著寄主植物之演變而共同演化(co-evolution) 之現象。在一地區大面積種植抗性作物品種，往往因選汰作用而選出可適應於此抗性品種上之有害生物族群，稱之爲生理小種 (race) 或生物小種 (biotype)，而導致抗性品種之崩潰，此現象稱之爲遺傳脆弱性(genetic vulnerability)。在歷史上第一個進行抗蟲育種研究者，於在 18 世紀末至 19 世紀中，美國所種植的小麥因小麥癭蚋 (Hessian fly, *Mayetiola destructor* (Say)) 的嚴重爲害，難以利用其他防治方法有效地抑制其猖獗發生，最終因抗蟲品種的選育與運用而獲得有效控制 (Painter, 1958)，但隨著抗小麥癭蚋品種之不斷選育，癭蚋也發展出許多對應生物小種 (Kudagamage *et al*., 1990; Ratcliffe *et al*., 1994; Ratcliffe *et al*., 2000)。而褐飛蝨連續飼育在抗性品種水稻上 (Mudgo, *Bph1*) 經過 22 世代，即可篩選出相對應的生物小種產生 (Athwal and Pathak, 1972; Cheng, 1975)。如何維持物種遺傳多樣性，在必要的情況之下才可提供種原，供抗性品種之篩選，已成爲重要課題。

大面積種植由單一基因所控制的作物很明顯的是一種不自然且危險的耕作方式，如在1971 年菲律賓呂宋島中部，在大面積種植IR20 及少數其它 IR 品系之情況下，爆發相當嚴重之 tungro 病毒病害，而靠近山區邊緣地帶所種植的傳統品種則相安無事 (Athwal and Pathak, 1972)；另外於 1972 年，美國大面積種植的雜交玉米，此種玉米均有相同的細胞質 (cytoplasm)，又稱 T 細胞質，但在此遺傳背景單一的情況下，引發南方型葉枯病(Southern leaf blight, *Helminthosporium maydis*) 大流行，一般也相信在作物遺傳多樣性的情況下，有助於減少流行病之發生與猖獗爲害 (Oka, 1982)。國際稻米研究所(International Rice Research Institute, IRRI) 選育出同時抗多種病害及蟲害之水稻品種，惟在所謂抗性品種釋放及推廣後，其抗性並無法維持長久，主要原因爲有害生物對寄主抗性之選汰作用，而篩選出生物小種。從以往諸多報告顯示，爲因應於有害生物 (理) 小種，而利用不同抗性基因所選育出之新品種後，很快的即會被新的生物 (理) 小種的產生，而取代舊有的生物小種，陷入永無止境的循環之中 (Kiyosawa *et al*., 1975)。

上述觀點讓我們體認到進行抗性育種，很難能選育出永久性的抗性品種。使用有毒的化學藥劑，也將帶來許多不良影響，我們應該注意有害生物就像雜草般具有很強的韌性，可迅速適應被人類干擾的棲所；使用殺蟲劑可以殺死害蟲族群中之大部份個體，形成相當大的干擾作用，但如同雜草般之有害生物可快速繁衍，而不具雜草般特性之天敵族群卻迅速衰弱，使其對害蟲之抑制效力失去平衡，致使害

蟲更易猖獗發生造成爲害 (Oka, 1982)。維持生態系之穩定及和緩有害生物的演化速率，應爲作物保護之重要目標。農業生態系爲農業生產之基礎，必需要小心管理才是，而害蟲的有效管理，遺傳多樣化 (genetic diversification) 必需是考慮的重點之一。

遺傳多樣性在農業害蟲防治的應用

害蟲的管理策略除非生物因子 (如環境) 外，亦包含其寄主植物、天敵 (包含病原) 及害蟲本身等之生物因子，如何應用上述生物因子之遺傳多樣性特點於害蟲發生及爲害之管理，將成爲新類型害蟲防治研究的方向。茲將目前在此方面之研究及應用於害蟲防治的有關文獻整理如下，供各位先進學者參考、指正。

一、寄主植物之遺傳多樣性

害蟲生長及發育所需之營養，均仰賴其寄主植物提供，亦即其寄主爲影響害蟲最重要之生物性因子。如上述，若寄主植物之遺傳背景單一，且具有相同之抗蟲基因情況下，害蟲極易被快速選汰出有能力適應於該抗性品種之有害生物族群 (亦即所謂生物小種)，而使原有作物之抗蟲性失效。如何減緩有害生物小種的產生，或延長所謂抗性品種應用壽命之持續性，是爲利用寄主植物之遺傳多樣性，作爲害蟲防治管理之重要課題。

抗蟲品種是指一種作物的品種因含有單一或若干特殊基因，使其在同一環境下對一種或幾種害蟲的爲害較沒有含該種基因的品種爲輕微，稱之。因此所謂抗蟲或感蟲爲一種相對的特性，其抗蟲的程度是與感蟲品種被害程度相互比較的結果，並非絕對性的。作物的抗蟲性狀係受遺傳基因所控制，可能受單主效基因 (major monogene) 所支配，亦可能受一主效基因及附加或修飾因子 (additive genes or modifier)，或數量微效基因 (minor polygenes) 所控制。抗蟲性狀由單主效因子所控制者，一般稱爲直式抗性 (vertical resistance)，抗蟲程度較強，較容易藉雜交育種程序將抗蟲基因轉移至優質的栽培品種；但若大面積連續栽植由同一主效基因所支配的抗蟲品種，較易產生有害生物小種，如在國際稻米研究所育成抗褐飛蝨的抗蟲品種 IR 26 (含 *Bph1* 抗性基因)，在東南亞大面積栽培後 3 至 5 年，即因產生有害生物小種 biotype 2 而崩潰，不得不改推廣含有 *bph2* 基因之稻種 IR32 以資對抗 (Khush, 1977, 1979; Panda and Khush, 1995)，但很快地，含有 *bph*2 基因之稻種又被新有害生物小種 biotype 3 所適應而崩潰 (Sogawa, 1992; Tanaka and Matsumura, 2000; Yu *et al*., 2001)。

另一方面，抗蟲性狀由數量微效基因 (minor genes resistance) 所支配者，又稱爲橫式抗性 (horizontal resistance)，其抗蟲程度通常介於中抗至微抗，可提供較持久的抗性表現。惟其抗性係由許多微效基因的共同表現，在育種程序上需經多次回交始能獲得與親本同等抗性，歷程較爲複雜，但其抗蟲性狀較爲穩定，不易產生有害生物小種 (Horber, 1980; Panda and Khsh, 1995; Smith, 1989)。如 IR20 於 1969 年命名推廣種植至今仍對二化螟及水稻 Tungro 球狀病毒 (Rice Tungro Spherical Virus, RTSV) 具抗性，其主要原因爲該水稻品種對二化螟及水稻 Tungro 球狀病毒的容忍性較一般品種高，可抑制二化螟及水稻 Tungro 球狀病毒病害的爲害，許多具容忍抗性的來源已被找到 (Hasanuddin and Hibino, 1989; Hibino *et al*., 1988; Hibino *et al*., 1990)。Hasanuddin and Hibino (1989) 進一步指出混合種植對媒

介昆蟲或病毒具容忍性之抵抗機制的品系，則對tungro球狀病毒病害提供更好的管理成效。

爲避免新有害生物（理）小種之害蟲或病原之產生，未來可考慮藉循環種植（gene rotation），混植（gene mixture）具不同抗性基因之作物品種的方式，或是種植多品系品種（multiple lines variety）之方式，避免或緩和有害生物小種之產生（Namkoong, 1991）。Browning and Frey (1969) 研究利用混合種植多種之抗、感性燕麥品種（multiline variety）的方式防治冠銹病（Crown rust, *Puccinia coronata*），結果顯示該種耕作方式可阻礙孢子形成達 4 天之久。而實際上利用多系品種之方法，例如組合 7-10 同遺傳性品系（isogenic lines）但具不同抗性基因之品系，證明對冠銹病之流行具防治效果，且可得到較高之作物產量（Frey *et al.*, 1975）。利用多品系品種進行害蟲防治效果雖不似病害般明確，但 Pathak and Khush (1977) 報告指出，利用對褐飛蝨感蟲（IR1917）、抗蟲品種 IR34（抗性基因爲 *Bph1*）及 IR36（*bph2*），依不同比例混合種植，可減少每叢水稻害蟲數量達到某一程度，而產量也隨飛蝨的爲害強度下降，而有明顯的減少。利用多品系品種耕作方式，雖可有效抑制及緩和生物（理）小種之產生，惟利用此方法必須考量所選用作物之不同品種（系），需具有相似農藝性狀（如植株形狀、植株高度、成熟期及穀粒大小）等，且對病蟲害爲異質性抗性表現，避免造成耕作操作上之另一項困擾，影響農民配合耕作之意願（Oka, 1982）。

利用寄主植物之遺傳多樣性對於媒介昆蟲所傳播之病害防治效果，亦有部份研究成果證實此方法之可行性。Power (1991) 連續三年之研究發現在以 1:1 比例混合種植抗感性品系之燕麥（*Avena sativa*），可減少黃萎病毒（yellow dwarf virus）之發生及爲害，試驗結果與全面栽植抗蟲品種之結果相似。在另一試驗以抗、感燕麥品系不同比例之種子混合栽培，可減少燕麥黃萎病之發生比率，低於含有兩個中抗品系一起種植的情況，但在極感及中抗的品系混合比例下則不然（Power, 1987）。探究其原因，可能與媒介昆蟲取食行爲與病毒傳播速率之關係有關。如蚜蟲在作物不同感、抗品系混合栽植的情況下，顯然較在純系品種栽植上者，有較高移動比率及較短的刺吸取食時間。對於持續性傳播之病毒，此病毒在媒介昆蟲體內需取食數小時才能將病毒播至健株上，短時間之取食行爲則會影響此類病毒之傳播（Power, 1991）；但相對的對於非持續性傳播之病毒，此方法則會加速此類病毒病害之傳播，造成更嚴重之爲害（Power, 1987）。

對於植物育種，目前可利用 DNA 標幟技術之方法實施所謂的分子標幟輔助育種（Marker-assisted selection, MAS），此一方法利用被標幟之 DNA（marker）於作物分離族群中快速地選汰追蹤及累積目標基因於一個目標遺傳組成（given genome）中。然而 MAS 技術目前大部分應用於單一基因所控制之遺傳性狀，並不適用於多基因所控制之遺傳性狀（polygenic traits）。隨著分子標幟及遺傳圖譜（genetic map）技術之建立，已證實 MAS 對於有關抵抗病蟲害之育種性狀篩選，具有良好之效率。結合 QTL（Quantitative trait loci）技術進行由單一基因所控制性狀的累積（gene pyramiding），在一些作物已獲得初步成效（Walker *et al.*, 2002, 2004）。但堆疊較多的抗蟲基因，是否就能保有較佳且持續性抗性之加乘表現，則不盡然，有待更進一步之研究探討（Horgan, personal communication）。

二、蟲生病原菌之遺傳多樣性

害蟲族群之發生除受到寄主植物之直接影響外，亦會受到天敵之控制。如何利用其天敵(特別是指蟲生病原菌)之遺傳多樣性進行蟲害管理，亦爲許多研究努力方向之一。例如白殭菌 (*Beauveria bassiana*) 爲一種發生普遍且應用廣泛之蟲生真菌，在哥倫比亞被廣泛應用於防治咖啡果小蠹 (coffee berry borer, *Hypothenemus hampei* (Ferrari)) 之蟲生菌，已成爲該蟲綜合防治方法中重要之一環 (Cruz *et al.*, 2006)。

理論上，應用蟲生菌做爲生物防治，均是選擇最適合且具優良特性之菌系爲主。但目前研究發現已知之白殭菌具遺傳多樣性，選取數種弱致病性菌株加以混合 (strain mixtures)，與單一菌落分離之強效致病性菌株 (clonal isolates) 比較，混合菌系較單一強致病菌系更具防治潛力。然而在混合不同遺傳背景菌株之防治結果，可導致敵對 (拮抗) 及合作 (協力) 之結果。研究將 2 個致病性最強之菌株 (strain) 混合在一起，卻得到最低之致死率 (57%)；反之將 3 個致病性較弱之菌株混合在一起，其致死率達到最高 (93%) 的防治效力 (Cruze *et al.*, 2006)。深入探討指出，在混合多種分離菌株試驗中，混合遺傳性相近之菌株其對害蟲致死率與單一品系之結果，在統計上相同；但在混合致病率高、但遺傳背景不同之菌株，則有敵對 (拮抗) 之現象；但在致病率低之菌株上，其混合之結果則呈現協力之現象，因而提高白殭菌之防治效果。此結果顯示利用不同菌株混合用於防治咖啡果小蠹之生物防治效果，具有潛在應用效果 (Cruz *et al.*, 2006)。如何增加病原遺傳多樣性，以增強生物防治之效果，爲許多研究學者戮力開發之目標，除積極尋找感染力更強及特性佳之菌株外，加強篩選抗紫外線、發芽及產孢力強等菌株，或是利用混合之方式，以得到遺傳多樣性之優點，提高其防治效果。

另外如桿狀病毒 (Baculovirus) 因寄主專一性高，可利用傳統施用方式防治害蟲，且不會有殘留及抗藥性問題等優點。目前研究顯示該病毒亦具高度變異性，即使是在同種寄主，於不同地理區所採集到的桿狀病毒，亦具高度遺傳變異性及生物學上的差異 (Bonning, 1996; Cory *et al.*, 2005)。研究於單一寄主昆蟲上，所分離到的桿狀病毒，可得到其遺傳及外型均具變異性，由單一個體之 pine beauty moth (*Panolis flammea*) 可分離出 24 個不同的 nucleopoly-hedrovirus (NPV) 品系 (variants)，而沒有一個品系是佔有優勢的。經比較其中 7 各品系於甘藍夜蛾 (*Mamestra brassicae*) 上，發現彼此的致病性及殺蟲速率均有明顯差異 (Cory *et al.*, 2005)。雖然在利用遺傳變異於植物育種上，作爲害蟲防治方法之一，很早以前已被提出 (Browning, 1974)，但在實際上，利用相似概念於蟲生病原菌之生物防治法，特別是混合同一菌株，但具遺傳多樣性之品系以提高其防治效力之研究，有待進一步探討及發展 (Cruze *et al.*, 2006)。

三、害蟲族群之遺傳多樣性

在動物與植物族群中，部分族群因遺傳因子之影響，使得其受精卵 (zygotes) 在自然環境中無法正常發育、生存而死亡，此致死因子增加之原因，可能是在受精卵發育過程中，某基因產生突變或是其受精卵在有絲分裂 (mitotic) 或減數分裂 (meiotic) 過程，發生遺傳不平衡 (genetic imbalance) 現象所致，亦即害蟲族群本身亦有因遺傳因子之變化或缺陷，導致其個體在自然環境下死亡之現象發生。如何應用及擴大此遺傳上之有害因子，增加害蟲族群本身之死亡率，進而達到降低害

蟲族群及其爲害情形，成爲另類利用害蟲本身遺傳多樣性，進行蟲害管理措施之一。

利用輻射 (irradiation) 或突變劑 (mutagenic chemicals) 誘導及提高害蟲族群於自然環境下之死亡率，進而降低害蟲族群之方法，最早在 1940 年由蘇俄遺傳學者 Serebrovsky 所構想提出，但卻由昆蟲學者 Knipling 與其同事於 1954 年應用此觀念於螺旋蠅 (Screwworm fly, *Cochliomyia hominivorax*) 之防治，並獲得良好防治成效 (Bushland, 1971; Knipling, 1969)。不孕性昆蟲釋放法 (Sterile Insect Release Method, SIRM) 已成爲蟲害管理方法之一，目前已成功發展及應用於瓜實蠅 (*Batrocera cucurbitae*)、東方果實蠅 (*Batrocera dorsalis*) 及墨西哥果實蠅 (*Anastrepha ludens*) 等重要農業害蟲之防治 (Whitten and Foster, 1975)。在日本沖繩地區利用不孕性昆蟲技術 (Sterile Insect Technique, SIT) 除成功撲滅瓜實蠅外，更希望以此技術結合性費洛蒙等方法，消滅甘藷蟻象 (*Cylas formicarious*) 及甘藷象鼻蟲 (*Eucepes postfasciatus*) 等重要農業害蟲 (Ito *et al*., 2003)。

然而對於一害蟲族群遺傳背景之充分了解，是爲確保執行此防治技術成功之基礎。螺旋蠅在北美及中美洲在過去 45 年運用不孕性昆蟲技術之綜合防治法，已獲得相當大之成功，到目前爲止，該蟲分佈僅局限於加勒比海小島及南美洲地區 (Whitten and Foster, 1975)。在牙買加 (Jamaica)，不孕性昆蟲技術於 1999 年開始實施，但至 2004 年中，卻只在一小部份地區獲得進展，有學者研究發現可能與大陸地區族群間之遺傳多樣性大於 2% 有關 (Roehrdanz, 1989)，但此關聯是否爲造成在牙買加地區，螺旋蠅滅絕計畫執行成效不彰原因，尚不得而知，有待更進一步之分析探討。針對類似加勒比海等小島，因具隔離性，理論上應爲進行滅絕計畫之理想場所，然而在進行不孕性雄蟲技術計畫之前，確立該地區標的害蟲之遺傳多樣性範圍及分歧度 (divergence)，是爲相當重要之基礎工作，因爲會影響到該防治計畫執行是否順利及成功，在加勒比海小島上之資料分析，即發現此一現象 (Lary *et al*., 2009)。Smith and von Borstel (1972) 推測爲該區域內之族群遺傳組成發生改變，致使其不與室內飼育族群進行交尾，無法利用此技術達到降低害蟲族群之目的，認爲不孕性昆蟲釋放計畫在該種地區實施有其危險性。對於利用此技術於其他農業害蟲防治工作，亦應特別注意此類狀況之發生，務必先確切分析所釋放之族群與目標區域內族群之遺傳背景是否有高度分化之現象，以免導致防治成效無法達到計畫目標，產生功虧一簣之現象 (Whitten and Foster, 1975)。

結　論

每一生物爲生存於多變之環境中，經長期之適應及演化，得以抵抗或躲避各種有害因子而存活下來，使得其族群保有豐富之遺傳多樣性。惟人類爲生存及提升生活品質等因素，創造出所謂適於人類利用及發展之「農業生態系」，相對造成所培育物種遺傳多樣性之損失及物種遺傳之脆弱性。在此種生態環境中，如何利用遺傳多樣性於作物害蟲之防治，許多層面及方向已成爲我們必須重新檢視及思考之問題。

除加強收集及保存所有物種之種原遺傳多樣性，供作未來利用昆蟲及寄主植物之遺傳多樣性特點，培育出抗蟲品種輪流種植，利用多品系栽培方式以減緩有害生物小種產生；此外，對於害蟲天敵 (病原菌) 之遺傳多樣性特

點，混合具協力作用之菌系增強其抑制能力，增加生物防治效果，亦需積極進行分工合作研究；另外研究如何擴大害蟲本身遺傳上之缺陷，增加害蟲族群自身滅亡的機率，減少其發生及爲害，是作爲害蟲整合防治研究重點之一。此爲未來應用遺傳多樣性進行農業害蟲防治之重要研究課題，亦爲我國積極發展農業永續經營不可或缺之重要基石。

引用文獻

Athwal, D. S., and M. D. Pathak. 1972. Genetics of resistance to rice insects. pp. 375-386. *In*: Rice Breeding. IRRI. Los Baños, Philippines.

Bonning, B. C. 1996. Development of recombinant baculovirous for insect control. Annu. Rev. Entomol. 41: 191-210.

Browning J. A. 1974. Relevance of knowledge about natural ecosystems to development of pest management programs for agro-ecosystems. Proc. Am. Phytopathol. Soc. 1: 191-199.

Browning J. A., and K. J. Frey. 1969. Multiline cultivars as means of disease control. Annu. Rev. Phytopathol. 7: 355-382.

Bushland, R. C. 1971. Sterility principle for insect control. pp. 3-14. *In*: Sterility Principle for Insect Control or Eradication. Proceedings, IAEA, Vienna, Austria.

Cheng, C. H. 1975. Interrelation between biotypes of brown planthopper and resistance in rice. Bull. Taiwan Agri. Res. Inst. 32: 29-41. (in Chinese)

Cheng, C. H., and S. H. Huang. 2007. Development and utilization of resistant varieties to insect pests. pp. 57-70. *In*: C. L. Wang and S. P. Chen eds. Non-chemical control techniques for pests management. Taiwan Agricultural Research Institute press. Taichung, Taiwan. (in Chinese)

Cory, J. S., B. M. Green, R. K. Paul, and F. Hunter-Fujita. 2005. Genotypic and phenotypic diversity of a baculovirus population within an individual insect host. J. Invert. Pathol. 89: 101-111.

Cruze, L. P., A. L. Gaitan, and C. E. Gongora. 2006. Exploiting the genetic diversity of *Beauveria bassiana* for improving the biological control of the coffee berry borer through the use of strain mixtures. Appl. Microb. Cell Physiol. 71: 918-926.

Frey, K. J., J. A. Browning, and M. D. Simons. 1975. Multiline cultivars of autogamous crop plants. SABRAO J. 7: 112-123.

Hasanuddin, A., and H. Hibino. 1989. Grain yield reduction growth retardation, and virus concentration in rice plants infected with tungro-associated viruses. Trop. Agric. Res. Ser. 22: 55-73.

Hibino, H., R. D. Daquioag, P. Q. Cabauatan, and G. Dahal. 1988. Resistance to rice tungro spherical virus in rice. Plant Dis. 72: 843-847.

Hibino, H., R. D. Daquioag, E. M. Mesina, and V. M. Aguiero. 1990. Resistances

in rice to tungro-associated viruses. Plant Dis. 74: 923-926.

Horber, E. 1980. Types and classification of resistance. pp. 15-21. *In*: Maxwell and Jennings eds. Breeding plants resistance to insects, John Wiley & Sons, New York.

Ito, Y., H. Kakinohana, M. Yamagishi, and T. Kohama. 2003. Eradication of the melon fly, *Bactrocera cucurbitae*, from Okinawa, Japan, by means of the sterile insect technique, with special emphasis on the role of basic studies. J. Asia-Pacific Entomol. 6: 119-129.

Khush, G. S. 1977. Disease and insect resistance in rice. Adv. Agron. 29: 265-341.

Khush, G. S. 1979. Genetic of and breeding for resistance to brown planthopper. pp. 321-332. *In*: Brown planthopper: Threat to rice production in Asia. IRRI, Los Baños, Philippines.

Kiyosawa, S., K. Kushibuchi, and S. Watanabe. 1975. Present status and problems in the breeding for blast resistance of rice. Agric. and Horti. 50: 25-30, 258-262. (in Japanese)

Knipling, E. F. 1969. Concept and value of eradication or continuous suppression of insect populations. pp. 19-32. *In*: Sterile male Technique for Eradication or Control of Harmful Insects. Panel Proc. IAEA. Vienna, Austria.

Kudagamage, C., J. E. Foster, P. L. Taylor, and B. H. Chen. 1990. Biotypes of the Hessian fly (Diptera: Cecidomyiidae) identified in the southeastern United States. J. Entomol. Sci. 25: 575-580.

Lary, M. L., L. B. Klaczko, and A. M. L. Azeredo-Espin. 2009. Complex patterns of genetic variability in populations of the New World screwworm fly revealed by mitochondrial DNA markers. Med. Vet. Entomol. 23 (suppl. 1): 32-42.

Namkoong, G. 1991. Maintaining genetic diversity in breeding for resistance in forest trees. Annu. Rev. Entomol. 29: 325-342.

Oka, H. I. 1982. The use of genetic diversity in managing agro-ecosystem. pp. 25-41 *In*: S. C. Hsieh and D. J. Liu eds. Plant Breeding. Agricultural Association of China and Regional Society of SABRAO. Taichung, Taiwan.

Painter, R. H. 1958. Resistance of plants to insect. Annu. Rev. Entomol. 3: 267-290.

Panda, N., and G. S. Khush. 1995. Host plant resistance to insects. CAB International. IRRI. Los Baños, Philippines.

Pathak, M. D., and G. S. Khush. 1977. Studies on varietal resistance to the brown planthopper at International Rice Research Institute. pp. 285-301. *In*: Brown Planthopper: Threat to Rice Production in Asia. IRRI. Los Baños, Philippines.

Power, A. G. 1987. Plant community diversity, herbivore movement, and an insect transmitted disease of maize. Ecology 68: 1658-1669.

Power, A. G. 1991. Virus spread and vector dynamics in genetically diverse plant populations. Ecology 72: 232-241.

Ratcliffe, R. H., G. G. Safranski, F. L. Patterson, H. W. Ohm, and P. L. Taylor. 1994. Biotype status of Hessian fly (Diptera: Cecidomyiidae) populations from the eastern United States and their response to 14 Hessian fly resistance genes. J. Econ. Entomol. 87: 1113-1121.

Ratcliffe, R. H., A. E. Cambron, K. L. Flanders, N. A. Bosque-Perez, S L. Clement, and H. W. Ohm. 2000. Biotype composition of Hessian fly (Diptera: Cecidomyiidae) populations from the southeastern, midwestern, and northwestern United States and virulence to resistance genes in wheat. J. Econ. Entomol. 93: 1319-1328.

Roehrdanz, R. L. 1989. Intraspecific genetic variability in mitochondrial DNA of the screwworm fly (*Cochliomyia hominivorax*). Bioch. Genet. 27: 551-569.

Smith, C. M. 1989. Plant resistance to insects – A fundamental approach. John Wiley & Sons, New York, UAS.

Smith, R. H., and R. C. von Borstel. 1972. Genetic control of insect populations. Science 178: 1164-1174.

Sogawa, K. 1992. Rice brown planthopper (BPH) immigrants in Japan change biotype. Int. Rice Res. Newsletter 17: 26-27.

Tanaka, K., and M. Matsumura. 2000. Development of virulence to resistant rice varieties in the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Homoptera: Delphacidae), immigrating into Japan. Appl. Entomol. Zool. 35: 529-533.

Walker, D., H. R. Boerma, J. All, and W. Parrott. 2002. Combining *cry1Ac* with QTL alleles from PI 229358 to improve soybean resistance to Lepidopteran pests. Mol. Breed. 9: 43-51.

Walker, D. R., J. M. Narvel, H. R. Boerma, J. N. All, and W. A. Parrott. 2004. A QTL that enhances and broadens *Bt* insect resistance in soybean. Theor. Appl. Genet. 109: 1051-1957.

Whitten, M. J., and G. G. Foster. 1975. Genetic methods of pest control. Annu. Rev. Entomol. 20: 461-476.

Yu, X, Z. Lu, G. Wu, L. Tao, J. Chen, X. Zheng, and H. Xu. 2001. The biotypes, wing-forms and the immigration of brown planthopper, *Nilaparvata lugens* Stål, in Zhejian province, China. J. Asia-Pacific Entomol. 4: 201-207.

The Application of Genetic Diversity for the Pests Management on Crops

Shou-Horng Huang[1]*, Ching-Huan Cheng[1], and Wen-Jer Wu[2,3]

[1] Department of Plant Protection, Chiayi Agriculture Experimental Station, ARI, Chiayi City 60044, Taiwan
[2] Department of Entomology, National Taiwan University, Taipei City 10617, Taiwan
[3] Research Center for Plant Medicine, National Taiwan University, Taipei City 10617, Taiwan

ABSTRACT

Each organic species generally possesses a certain amount of genetic variations. The genetic diversity is important for an organism to evolve, fitting and breeding under the changing and unstable conditions. The modernization of agriculture has guided crop farming toward monoculture which has greatly minimized the genetic diversity of crop within a species, causing genetic erosion, and destroying the balance of agro-ecosystems. That is one of main factors inducing outbreak of crop pests. Present paper reviews the works regarding the possibility of using genetic diversity in crop to reduce the damage of pests. It revealed that genetic diversity might be used as one of major components in the system of pest management basing on either unfavorable host plant (resistant varieties), high effective pathogens and gene defect of the pests. We could use resistant genes by rotating or using multilines cultivation for preventing the development of virulent races or biotypes. On the other hand, besides searching higher effective pathogen species or lines, we also could mix different strains to enhance the control efficacy. In addition, we also could further enlarge the death factor of the genetic in pest population for decreasing their damages. How to explore and preserve the germplasm of crops and pathogens of pests, then basing on the genetic diversity either the crops, pathogens or pest itself, will become the most important and fundamental work in the future.

Key words: genetic diversity, pest, management

*Correspondence address
e-mail: shhuang@dns.caes.gov.tw